

银鲴自然群体线粒体 DNA 的遗传分化

肖武汉 张亚平¹⁾

(中国科学院水生生物研究所, 武汉 430072)

1) (中国科学院昆明动物研究所细胞及分子进化开放实验室, 昆明 650223)

摘要: 运用 21 种限制性内切酶对银鲴自然群体进行了 mtDNA 的限制性片断长度多态性 (RFLP) 分析。发现银鲴自然群体存在丰富的 mtDNA 多态性, 从 4 个群体 39 个个体中, 共检测到 12 种单倍型, 对这一现象的成因进行了探讨。依据单倍型和群体的系统发育关系, 结合地理分布的资料, 对其现今分布区相互间的历史联系及其对银鲴起源和分化的影响进行了分析。

关键词: 银鲴, 自然群体, 线粒体 DNA, 遗传分化

中图分类号: Q75 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2000)01-01

脊椎动物线粒体 DNA 具有结构稳定、进化速度快、不发生重组和严格的母系遗传等特点, 是进行群体遗传研究的良好标记^[1]。Avisé 在考察了大量物种线粒体 DNA 谱系发育和地理分布的关系后, 将群体遗传学和系统学结合起来, 提出了种内系统地理学 (Intraspecific phylogeography) 的概念, 即可以从分子水平研究动物的系统发育地理学^[2]。淡水鱼类, 其分布受到水系的严格限制, 不同的水系是天然的地理隔离, 小生境千差万别, 物种分化明显。因而, 对于研究物种的遗传分化, 探讨地理隔离等因素对物种形成的影响, 淡水鱼类可能是比较理想的模式生物。

银鲴 (*Xenocypris argentea* Günther) 在分类上属鲤科 (Cyprinidae)、鲴亚科 (Xenocyprinae)、鲴属 (*Xenocypris*)。在形态上, 其侧线鳞和鳃耙数目、体长与体高比、腹棱以及鳃盖后颜色等与鲴属其他种类存在差别, 而其种内形态差异不明显。它广泛分布于我国的江河、湖泊, 且生境复杂多样, 存在不同程度的地理隔离^[1]。以线粒体 DNA 作为标记, 开展其遗传分化研究, 将有助于我们了解银鲴各地理群体相互间的系统进化关系, 以及分布区相互间的历史联系, 此外, 对于阐明物种形成过程中, 地理隔离因素对物种形成影响等重大理论问题可能也有所裨益。本文利用线粒体 DNA 的 RFLP 分析, 探讨了银鲴四个自然群体线粒体 DNA 的多态性, 及其与银鲴的起源、分化和地理分布的关系。

收稿日期: 1998-08-28; 修订日期: 1998-10-30

基金项目: 国家自然科学基金 (项目编号: 39870123)、云南省自然科学基金及中国科学院昆明动物研究所细胞及分子进化开放实验室基金资助项目。

作者简介: 肖武汉 (1968-), 男, 湖北省安陆市人, 博士, 从事细胞生物学研究。

1 材料和方法

1.1 样品来源和数量见(表 1)

表 1 样品来源和数量

Tab. 1 Resources of specimens collected for RFLP analysis

采集地点	数量	采集地点	数量
湖北梁子湖和刁叉湖	10	福建南平	10
湖南洞庭湖	9	四川阆中	10

材料鱼购自当地集贸市场,用冰筒带回实验室, - 70℃ 冻存备用。

1.2 鱼类 mtDNA 地高辛标记探针方法 依肖武汉等的方法^[4]。

1.3 基因组 DNA 提取 依王文等方法^[5]。限制性内切酶 *Bam*HI, *Bgl*II, *Bgl*III, *Dra*I, *Eco*RI, *Eco*RV, *Hind*III, *Kpn*I, *Pst*I, *Pvu*II, *Sac*I, *Sal*I, *Sma*I, *Xba*I, *Xho*I 购自华美生物工程公司; *Apa*I, *Ava*I, *Bcl*I, *Clal*, *Hae*II, *Hinc*II 购自 Promega 公司。DNA 样品 2μg 分别用上述酶解,酶解反应依厂商推荐的条件进行。样品酶解后经 1% 琼脂糖电泳分离后,按常规 Southern 杂交中的毛细转移法将 DNA 转移至尼龙膜上,尼龙膜 120℃ 烘烤 15—30min。尼龙膜、地高辛标记检测试剂盒购自 Boehringer-Mannheim 公司,检测操作按试剂盒中推荐的方法进行,显示出的结果照相或复印机记录,留待分析。

1.4 数据分析 遗传距离的计算按 Nei 和 Li 提出的片断法进行,并计算衡量群体内多态程度的 π 值^[6]。具体如下:

以 λ DNA/*Hind*III/*Eco*RI 作为分子量标记确定 mtDNA 酶解后,经杂交显示的每一片断的分子量。利用片断法,计算出单倍型间的片断共享度 F:

$$F = 2N_{xy} / (N_x + N_y)$$

其中, N_{xy} 是 X, Y 两类型间共有的片断数, N_x 是 X 类型的片断总数, N_y 是 Y 类型的片断总数,再利用 F 得出两个类型间的遗传距离:

$$P \approx 1 - [(-F + (F^2 + 8F)^{1/2}) / 2]^{1/2}$$

在一个群体(A)内,其 mtDNA 多态度由 π 值来衡量,

$${}_i\pi_A = \sum_j A_i A_j P_{ij}$$

A_i 是第 i 种限制性类型在 A 群体中所占的分数, A_j 是第 j 种类型所占的分数, P_{ij} 是 i, j 两类型间的遗传距离。

任意两群体间的平均 mtDNA 多态度为

$${}_j\pi_{AB} = \sum_i A_i B_j P_{ij}$$

根据 π_A , π_B 和 π_{AB} , 可得出任意两群体间的净遗传距离,

$$P_{net} = \pi_{AB} - (\pi_A + \pi_B) / 2$$

P_{net} 值用以衡量群体间的差异程度。

1.5 系统树的构建 选取黄尾鲷为外群,利用 PHYLIP3.5c 中 Neighbor 程序中的 UPGMA 和 NJ 法构建系统树^[7]。

2 结果

2.1 mtDNA 的限制性类型

在用于分析的 21 种限制性内切酶中, 有 11 种酶: BamHI, BglII, BglIII, DraI, EcoRV, HaeII, HincII, HindIII, PstI, PvuII, XbaI 检测到多态, 其余 10 种酶未检测到变异。银鲌 mtDNA 大小为 $16.6 \pm 0.3\text{Kb}$ 。酶切片断大小见表 2。

表 2 酶切片断大小

Tab. 2 Cleavage types and fragments

ApaI(A)							
A ₁	9.0	7.6					
AvaI(V)							
V ₁	11.8	2.8	2.0				
BamHI(M)							
M ₁	无切点						
M ₂	16.6						
M ₃	13.0	3.6					
M ₄	15.2	1.2					
M ₅	13.0	2.4	1.2				
BclII(C)							
C ₁	10.0	6.8					
BglII(G)							
G ₁	9.0	3.8	1.5				
G ₂	11.0	3.2	1.5	1.2			
BglII(B)							
B ₁	无切点						
B ₂	9.0	5.0	2.6				
ClaI(L)							
L ₁	16.6						
DraI(D)							
D ₁	5.3	4.1	4.0	1.1	0.7		
D ₂	5.3	4.0	2.1	1.6	1.1	0.8	0.7
EcoRI(E)							
E ₁	6.9	4.1	3.2	1.2	1.0		
EcoRV(R)							
R ₁	11.5	5.1					
R ₂	12.8	3.8					
R ₃	13.8	2.8					
R ₄	11.5	2.8	2.3				
HaeII(H)							
H ₁	6.3	5.1	5.0				
H ₂	8.0	6.3	2.3				
H ₃	6.3	5.1	2.9	2.3			
H ₄	6.3	5.1	2.9	1.1	0.8		

续表

H ₅	5.6	5.1	2.9	2.3	0.8		
HindIII(N)							
N ₁	16.6						
N ₂	6.5	3.8	2.4	1.7	1.5	0.6	
HincII(I)							
I ₁	9.1	4.1	3.4				
I ₂	11.0	4.1	1.4				
I ₃	4.1	2.8	2.6	1.8	1.7	1.6	1.1
KpnI(K)							
K ₁	16.6						
PstI(P)							
P ₁	12.0	4.5					
P ₂	12.0	4.0	0.5				
PvuII(U)							
U ₁	12.6	4.0					
U ₂	13.8	1.8	1.0				
U ₃	10.5	4.7	0.8	0.6			
SacI(S)							
S ₁	16.6						
SalI(Y)							
Y ₁	16.6						
SmaI(T)							
T ₁	16.6						
XbaI(X)							
X ₁	16.6						
X ₂	11.5	5.1					
X ₃	6.8	5.1	4.8				
XhoI(O)							
O ₁	16.6						

表3 银鲢自然群体mtDNA的限制性类型和单倍型

Tab. 3 mtDNA haplotypes of *Xenocypris argentea* natural populations

XD	A ₁	V ₁	M ₂	C ₁	G ₁	B ₃	L ₁	D ₂	E ₁	R ₃	H ₂	N ₁	I ₁	K ₁	P ₂	U ₁	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₁	O ₁
XA1	A ₁	V ₁	M ₂	C ₁	G ₂	B ₃	L ₁	D ₁	E ₁	R ₁	H ₄	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₃	O ₁
XA2	A ₁	V ₁	M ₂	C ₁	G ₂	B ₂	L ₁	D ₁	E ₁	R ₁	H ₄	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₃	O ₁
XA3	A ₁	V ₁	M ₂	C ₁	G ₂	B ₃	L ₁	D ₁	E ₁	R ₁	H ₃	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₃	O ₁
XA4	A ₁	V ₁	M ₂	C ₁	G ₂	B ₃	L ₁	D ₁	E ₁	R ₄	H ₄	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₃	O ₁
XA5	A ₁	V ₁	M ₃	C ₁	G ₂	B ₃	L ₁	D ₁	E ₁	R ₄	H ₄	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₃	O ₁
XA6	A ₁	V ₁	M ₄	C ₁	G ₂	B ₃	L ₁	D ₁	E ₁	R ₄	H ₁	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₃	O ₁
XA7	A ₁	V ₁	M ₄	C ₁	G ₂	B ₁	L ₁	D ₁	E ₁	R ₁	H ₄	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₃	O ₁
XA8	A ₁	V ₁	M ₁	C ₁	G ₂	B ₃	L ₁	D ₁	E ₁	R ₁	H ₄	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₃	O ₁
XA9	A ₁	V ₁	M ₂	C ₁	G ₂	B ₃	L ₁	D ₁	E ₁	R ₂	H ₄	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₂	O ₁
XA10	A ₁	V ₁	M ₂	C ₁	G ₂	B ₁	L ₁	D ₁	E ₁	R ₂	H ₃	N ₂	I ₃	K ₁	P ₁	U ₃	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₂	O ₁
XA11	A ₁	V ₁	M ₃	C ₁	G ₂	B ₃	L ₁	D ₂	E ₁	R ₃	H ₃	N ₂	I ₂	K ₁	P ₁	U ₂	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₂	O ₁
XA12	A ₁	V ₁	M ₃	C ₁	G ₂	B ₁	L ₁	D ₂	E ₁	R ₃	H ₃	N ₂	I ₂	K ₁	P ₁	U ₂	S ₁	Y ₁	T ₁	X ₂	O ₁

在 4 个群体 39 个个体中,共检测到 44 种态型组成 12 种单倍型(表 3),其中 XD 为黄尾鲢。

2.2 单倍型间的遗传距离

利用 Nei 和 Li^[6]的方法计算出的 12 种单倍型间以及它们与外群间的遗传距离(表 4) 利用单倍型间的遗传距离构建的单倍型间的 UPGMA 和 NJ 树如图 1 和图 2。

表4 单倍型间的遗传距离

Tab. 4 Genetic distances between haplotypes

XD	XD	XA1	XA2	XA3	XA4	XA5	XA6	XA7	XA8	XA9	XA10	XA11	XA12
XA1	0.0318												
XA2	0.0354	0.0025											
XA3	0.0344	0.0015	0.0030										
XA4	0.0310	0.0020	0.0035	0.0034									
XA5	0.0335	0.0034	0.0050	0.0050	0.0014								
XA6	0.0365	0.0067	0.0085	0.0072	0.0045	0.0049							
XA7	0.0404	0.0051	0.0046	0.0067	0.0050	0.0055	0.0067						
XA8	0.0338	0.0020	0.0036	0.0035	0.0020	0.0024	0.0056	0.0030					
XA9	0.0354	0.0057	0.0075	0.0074	0.0056	0.0072	0.0109	0.0080	0.0046				
XA10	0.0435	0.0106	0.0101	0.0124	0.0104	0.0109	0.0124	0.0082	0.0094	0.0042			
XA11	0.0244	0.0202	0.0227	0.0207	0.0184	0.0175	0.0207	0.0217	0.0188	0.0197	0.0248		
XA12	0.0281	0.0232	0.0227	0.0237	0.0212	0.0217	0.0237	0.0187	0.0217	0.0227	0.0232	0.0026	

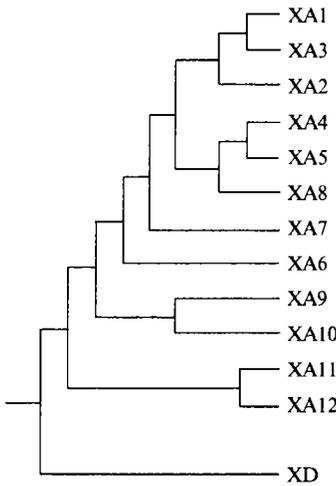


图 1 基于遗传距离,利用 PHYLIP 3.5c 中的 UPGMA 法,构建的银鲌 4 个自然群体 12 种单倍型的分子系统树。 Fig.1 Molecular phylogenetic tree of 12 mtDNA haplotypes from 4 populations of *Xenocypris argentea* constructed using UPGMA in PHYLIP 3.5c

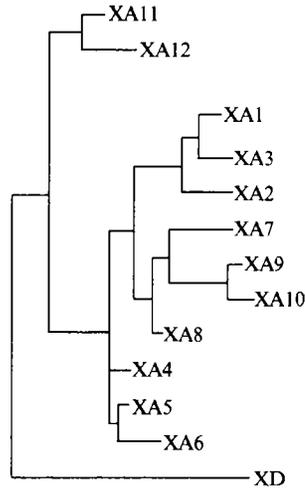


图 2 基于遗传距离,利用 PHYLIP 3.5c 中的 NJ 法,构建的银鲌 4 个自然群体 12 种单倍型的分子系统树,枝长代表了分歧程度。 Fig.2 Molecular phylogenetic tree of 12 mtDNA haplotypes from 4 populations of *Xenocypris argentea* constructed using NJ in PHYLIP 3.5c. The diversity was indicated by the tree length.

2.3 银鲌的群体遗传结构

12 种单倍型在各群体中的分布见表 5。

表5 mtDNA单倍型在银鲴各群体中的分布

Tab.5 Distribution of haplotypes among populations

群体	数量	XA1	XA2	XA3	XA4	XA5	XA6	XA7	XA8	XA9	XA10	XA11	XA12
LD	10	3	2	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
DTH	9	3	2	0	0	1	0	0	3	0	0	0	0
NP	10	0	0	0	0	0	0	0	0	9	1	0	0
JLJ	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	1

*LD: 湖北梁子湖和刁叉湖群体; DTH: 湖南洞庭湖群体; NP: 福建南平群体; JLJ: 四川嘉陵江群体。

由表5可见: XA9和XA10仅分布于福建南平群体, XA11和XA12仅分布于四川嘉陵江群体。XA8为洞庭湖群体特有, XA3、XA4、XA6和XA7为湖北群体所特有。湖南和湖北群体共有的单倍型为XA1、XA2和XA5。

衡量群体多态度的 π 值: 湖南洞庭湖群体(DTH)为0.17%, 湖北梁子湖和刁叉湖群体(LD)为0.10%, 福建南平群体为0.038%, 四川嘉陵江群体为0.023%。由此可见: 洞庭湖群体的多态程度最高, 嘉陵江群体的多态程度最低。

利用群体多态度及单倍型在群体中的分布, 计算了4个群体间及它们与外群间的净遗传距离(表6)。

依据群体间的净遗传距离, 构建UPGMA和NJ树, 如图3和图4。

表6 群体间的净遗传距离

Tab.6 Net distance between populations

LD	LD	DTH	NP	JLJ
DTH	0.00155			
NP	0.00643	0.00563		
JLJ	0.01969	0.01961	0.02016	

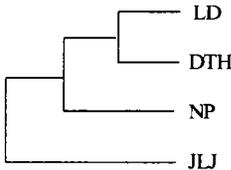


图3 基于群体间净遗传距离, 构建的群体间相互关系UPGMA分子聚类图。

Fig.3 UPGMA phylogram of 4 populations based on net distances of populations.

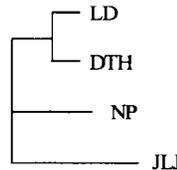


图4 基于群体间净遗传距离, 构建的群体间相互关系NJ分子聚类图, 枝长代表了分枝的程度。

Fig.4 NJ phylogram of 4 populations based on net distances of populations. The diversity was indicated by tree length.

3 讨论

3.1 银鲴自然群体线粒体DNA的遗传多样性

在银鲴4个群体中, 利用21种限制性内切酶进行分析, 其中8种酶可检测到多态。仅从39个个体中, 就检出12种单倍型, 可见, 银鲴自然群体存在丰富的mtDNA多态性, 其多

态程度明显高于我国广泛分布的鲫、鲤^[8]以及长江中下游的鲢、鳙、草鱼和青鱼^[9]。12种单倍型间的序列差异从0.14%—2.37%, 介于一般淡水鱼类 mtDNA 种内序列变异的范围内, 而高于溯河洄游鱼类 mtDNA 序列变异, 属具最大种内变异的物种^[1]。

银鲴是一种中小型鱼类, 喜栖息于水面宽阔的江、河、湖泊, 其分布北起黑龙江, 南达海南岛和珠江; 西起云南高原湖泊, 东至闽江、钱塘江, 几乎遍布于我国各主要水系^[1], 除湖南一些地区有人工养殖它的历史和传统, 而引种入一些池塘和水库外^[10], 其余水系的银鲴均生活于自然状态。较少的人工干预可能是保持银鲴目前遗传多样性丰富的原因之一, 而鲫、鲤的遗传多样性贫乏可能与它们广泛的人工养殖和无节制的推广放养有极大的关系。银鲴生活的各水系间处于连续和隔离状态, 其生境或多或少存在一定程度的地理隔离, 小生境千差万别, 这也可能是其遗传变异能够产生并得以保存的另一原因。大量的研究表明: 海洋鱼类的遗传多样性较淡水鱼类遗传多样性贫乏的一个主要原因就是, 海洋与陆地江河湖泊相比, 缺乏一定程度的地理隔离^[11]。此外, 有研究还显示: 银鲴尽管喜栖息于宽阔的水面, 但其生长、成熟和繁殖, 不需要经过长距离的溯河洄游^[12], 这从某种程度上降低了银鲴各群体通过水系进行相互交流的内在动力, 从而减少了群体间的基因流, 有利于保存各自的基因型。有研究表明: 江河洄游性鱼类的遗传多样性相对较贫乏, 就是由于鱼类洄游的特性, 使群体间存在广泛的基因流, 导致其多样性的降低^[13]。

从12种单倍型在4个群体中的分布和衡量群体间的遗传多态度 π 值来看, 银鲴不同群体 mtDNA 多态性, 存在显著的地理差异。湖北梁子湖和刁叉湖群体及湖南洞庭湖群体 mtDNA 多态性较丰富, 而福建南平和四川嘉陵江群体 mtDNA 的多态性相对较贫乏。在淡水鱼类, mtDNA 多态性存在地理差异这一现象, 也被大量观察到^[1]。一种最普遍的解释就是: 由于经过更新世冰期, 使种群受到“瓶颈效应”(Bottleneck)的打击, 而后, 又受到“创立者效应”的作用, 导致某些物种或种群遗传多样性贫乏^[1]。对于银鲴, 有的种群遗传多样性丰富, 有的种群遗传多样性相对较贫乏, 造成这种现象的原因, 作者认为: 除了“瓶颈效应”和“创立者效应(Founder effect)”导致一些种群的遗传多样性贫乏外, 更新世冰期以来, 外界环境对特异性基因型的选择作用及物种对环境的适应进化, 可能也是造成银鲴 mtDNA 多态性存在地理差异的主要原因之一。湖南、湖北的河流和湖泊, 水面宽阔, 水流较平缓, 水位的季节性变化不大, 小生境复杂多样, 饵料丰富, 存在许多不同的生态位, 因而, 该生境不仅适宜于不同生态位个体的生存, 而且还有利于它们的进化发展。与此相反, 四川嘉陵江和福建闽江属山区河流, 水流湍急, 水位季节变化较大, 生境相对较恶劣, 这样的生境, 对银鲴特有性单倍型的选择可能起到很大的作用。只有一些适应这种环境的少量种群才得以保存。

从单倍型的分布, 还可以发现, 除了湖南和湖北群体具有三种相同的单倍型外, 其余9种单倍型都为不同的种群所特有。根据这些特有的单倍型, 很容易将不同的种群区分开。许多学者早已认识到: mtDNA 的丰富变异可以作为类群识别的基础, 它比形态学、同工酶和多位点探针等能提供更多的有效标记。利用 mtDNA 标记进行类群识别, 已有不少成功的报道^[14]。银鲴群体间形态差异很小, 即使与其近缘种—黄尾鲴间的形态, 有时也很难区别, 极易混淆^[3]。同工酶的分析, 也难以将银鲴与黄尾鲴区分开^[15], 可以想象, 对于银鲴群体的区分, 同工酶标记将更难以凑效。本研究中, 仅从39个个体中就检出了各群体特有

的单倍型。因而, 作者认为: 利用 mtDNA 标记进行淡水鱼类自然种群的类群识别具有其独特的优越性。

3.2 银鲴自然群体线粒体 DNA 的遗传分化及银鲴的起源和扩散

从图 1 和图 2, 可以看到, 银鲴 mtDNA 的单倍型间显示出明显的地理分化, 且具有一定的规律性, 其系统地理模式 (Phylogeographic type) 可归结为 Avise 模式中的 I 型、II 型和 IV 型^[2]。湖南和湖北群体不仅具有相同的单倍型 (XA1, XA2, XA5), 而且, 两群体各自特有的单倍型间也产生交叉, 说明这两个群体具有最紧密的亲缘关系。在 UPGMA 系统树上, 湖南和湖北群体单倍型组成的一支与福建南平群体单倍型组成的一支形成一对姊妹群, 该姊妹群再与嘉陵江群体单倍型组成的一支形成一对姊妹群。嘉陵江群体的单倍型与其他群体的单倍型分化较早, 福建群体单倍型分化次之。NJ 系统树的拓扑结构基本上同 UPGMA 系统树, 所不同之处在于, 福建南平群体两种单倍型尽管仍聚在一起, 但它们与湖南和湖北群体单倍型发生部分交叉。

依据群体间的净遗传距离构建的群体间相互关系的 UPGMA 和 NJ 系统树, 具有相同的拓扑结构, 湖南和湖北群体具有最近的亲缘关系, 福建南平群体次之, 嘉陵江群体分化最早。

银鲴分布广泛, 分布区呈连续或隔离状态, 洄游又并非其生活特性, 因而, 导致其种群间存在不同程度的地理隔离。由于基因突变和随机遗传漂变, 必然产生遗传分化。许多学者早已认识到: 与核基因组相比, 线粒体 DNA 能够更快地固定产生不同基因型, 再加上, 线粒体 DNA 具快速进化、母系遗传等特点, 因而, 它能提供更有效和更灵敏的遗传标记^[1]。在鱼类, 已有大量研究报道^[1, 16]。

在了解了种群的遗传分化后, 综合地理分布和地质历史资料, 可探讨地理分布区相互间的历史联系, 物种起源和进化途径及地质历史事件对物种形成的影响。湖南和湖北群体具有相同的单倍型, 且单倍型间相互交叉, 可能表明这两个群体分化较晚, 且存在近期的基因流。一个有趣的现象就是: 尽管目前湖南和湖北群体与四川嘉陵江群体通过长江有水系上的联系, 而湖南和湖北群体与闽江水系已产生地理隔离, 但群体间的系统发育关系显示: 湖南和湖北群体与福建群体有更近的亲缘关系, 而与长江上游嘉陵江群体的关系较远。这可能提示: (1) 闽江水系与长江中游地理隔离的形成, 较长江中游与上游地理隔离 (如: 长江三峡) 的形成时间晚; (2) 由于银鲴没有洄游的特性, 再加上长江三峡等地理隔离因素的阻碍, 长江中游与上游银鲴群体不存在近期的基因流。此外, 在 NJ 系统上, 湖南、湖北和福建群体单倍型有部分交叉, 可能还与第四季冰期以来, 长江中下游频繁发生的洪水泛滥和河流袭夺有关。如果, 将 mtDNA 谱系转换成水系间的联系, 可以发现它与刘焕章^[18]通过动物地理学分析得出的结论一致: 长江中下游与闽江有较近的历史联系, 而与长江上游的关系较远。依鱼类 mtDNA 的进化速率每百万年 0.5% 来推算^[17]: 长江中游与上游生物地理隔离 (如: 长江三峡) 的形成大约在 500 万年前, 而中下游与闽江生物地理隔离的形成大约在 200 万年前。当然, 这还有待地质资料的证实。

尽管本研究选定的银鲴种群有限, 但依据本研究的结果, 可以对银鲴的起源和分化有一个初步的认识。mtDNA 单倍型的分布格局显示: 长江中游等江河平原区, 银鲴群体具有最多的单倍型。这一方面可能表明: 长江中游江河平原区是银鲴的起源中心; 另一方面可

能还反映银鲌湖南和湖北群体仍处于扩张状态。嘉陵江和南平群体具有特有性的单倍型,且嘉陵江群体的单倍型不与其他群体的单倍型发生任何形式的交叉,这又提示:地理分隔在银鲌物种的形成过程中又起着很重要的作用。综合扩散和地理分隔这两方面的因素,作者认为:在银鲌物种形成的早期,地理隔离起主要作用。在地理隔离形成以后,扩散又是该物种进化发展的主要方式。

参 考 文 献

- [1] Billington N. Hebert P D N. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions [J]. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 1991, **48**(suppl.1):80~94
- [2] Avise J C., et al., Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics [J]. *Ann. Rev. Ecol. Sys.*, 1987, **18**:489—522
- [3] 陈宜瑜等著,中国动物志硬骨鱼纲鲤形目(中卷)[M]. 北京: 科学出版社, 1998: 208—224
- [4] 肖武汉等, 一种从鱼类卵巢制备地高辛标记 mtDNA 探针的简易方法 [J]. *动物学研究*, 1997, **18**: 58, 72, 78
- [5] 王文等, 云南 4 种少数民族的随机扩增多态 DNA 分析 [J]. *科学通报*, 1994, **39**(20):1900—1903
- [6] Nei M. Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1979, **76**(10):5260~5273
- [7] Felsenstein J., In: PHYLIP ver 3.5c. Department of Genetics [M], University of Washington, Seattle. 1993
- [8] 罗 静等, 鲫鱼遗传多样性的初步研究 [J]. *遗传学报*, 1998(印刷中)
- [9] 李思发等, 长江中下游鲢鳙草青四大家鱼线粒体 DNA 多样性分析 [J]. *动物学报*, 1998, **44**(1):82—93
- [10] 王宾贤等, 银鲌性腺发育和胚胎发育的观察 [J]. *水生生物学集刊*, 1984, **8**(3):271—282
- [11] Grewe P M., et al., Mitochondrial DNA variation among Lake trout (*Salvelinus namaycush*) strains stocked into Lake Ontario[J]. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 1993, **50**:2397—2403
- [12] 朱居宏, 梁子湖密鲌的生物学 [J]. *水生生物学集刊*, 1960, (2):159—169
- [13] Birt T P., et al., Mitochondrial DNA variation reveals genetically distinct sympatric populations of anadromous and nonanadromous Atlantic salmon [J], *Salmo salar*. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 1991, **48**: 577—582
- [14] Mcveigh H P., et al., Mitochondrial DNA differentiation of sympatric populations of brown trout, *Salmo trutta* L., from Lough melvin, Ireland [J]. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 1995, **52**:1617—1622
- [15] 曹丽琴, 孟庆闻, 中国鲴亚科同工酶和骨骼特征及系统演化的探讨 [J]. *动物分类学报*, 1992, **17**(3):366—376
- [16] Bermingham E. Avise J C. Molecular zoogeography of freshwaterfishes in the Southeastern United States[J]. *Genetics*, 1986, **113**:939—965
- [17] Cantatore P M., et al., Evolutionary analysis of cytochrome b sequence in some Perciformes: Evidence for a slower rate of evolution than in mammals[J]. *J. Mol. Evol.*, 1994, **39**:589—597
- [18] 刘焕章, 鳅类的骨骼解剖和系统发育研究 [D]. 1993, 中国科学院水生生物研究所博士学位论文

MITOCHONDRIAL DNA DIVERSITY IN POPULATIONS OF
XENOCYPRIS ARGENTEA AS REVEALED BY
RESTRICTION ANALYSIS

XIAO Wu-han and ZHANG Ya-ping¹⁾

(Institute of Hydrobiology, The Chinese Academy of Sciences, Wuhan, 430072)

¹⁾(Laboratory of Cellular and Molecular Evolution, Kunming Institute of Zoology, The Chinese Academy of Sciences, Kunming, 650223)

Abstract: The restricted fragment length polymorphism was employed to investigate the genetic diversity in four populations of *Xenocypris argentea* distributed in China. The abundance of mtDNA variation was found in natural populations of *X. argentea*. Twelve haplotypes were detected from 39 individuals belonging to 4 populations. The mechanism of this phenomenon was also discussed. Both the phylogeography of population distributions and its effect on the origination and diversity of *X. argentea* were analyzed according to the phylogeny of the haplotypes and populations when considering the data of their present distributions.

Key words: *Xenocypris argentea*, Natural population, Mitochondrial DNA, Genetic diversity